



**University of
Zurich**^{UZH}

**Zurich Open Repository and
Archive**

University of Zurich
University Library
Strickhofstrasse 39
CH-8057 Zurich
www.zora.uzh.ch

Year: 2020

Wildkatzenmonitoring Schweiz: Verbreitung, Dichte und Hybridisierung der Wildkatze in der Schweiz. Ergebnisse der zweiten Erhebung 2018/20

Nussberger, Beatrice ; Roth, Tobias

Posted at the Zurich Open Repository and Archive, University of Zurich

ZORA URL: <https://doi.org/10.5167/uzh-199524>

Published Research Report

Published Version

Originally published at:

Nussberger, Beatrice; Roth, Tobias (2020). Wildkatzenmonitoring Schweiz: Verbreitung, Dichte und Hybridisierung der Wildkatze in der Schweiz. Ergebnisse der zweiten Erhebung 2018/20. Zürich: Wildtie Schweiz.



Wildkatzenmonitoring Schweiz:

Verbreitung, Dichte und Hybridisierung der Wildkatze in der Schweiz

Ergebnisse der zweiten Erhebung 2018/20

Beatrice Nussberger
Projektleitung

Wildtier Schweiz
Winterthurerstrasse 92
CH-8006 Zürich

+41 (0)44 635 61 38
info@wildtier.ch
www.wildtier.ch

Impressum

Auftraggeber

Bundesamt für Umwelt BAFU
Abteilung Arten, Ökosysteme, Landschaften
Sektion Wildtiere und Waldbiodiversität
CH-3003 Bern

Mirjam Pewsner, Sabine Herzog

Auftragnehmer

Wildtier Schweiz
Winterthurerstrasse 92
CH-8006 Zürich

Unterauftragnehmer

Tobias Roth, Hintermann & Weber AG (H&W)

Wissenschaftliche Zusammenarbeit

Institut für Evolutionsbiologie und Umweltwissenschaften (IEU), Universität Zürich
Genetic Diversity Centre (GDC), ETH Zürich

Mitarbeitende

Benedikt Gehr (WTS): Unterstützung bei der statistischen Auswertung und bei der Grafik
Simon Meier (WTS): stellvertretende Projektleitung, Feldteam-Ausbildung
Beatrice Nussberger (WTS): Projektleitung, Feldteam-Ausbildung und -Koordination, Feldprotokolle, Laborarbeiten, Datenaufbereitung und -auswertung, Grafik, Berichtredaktion
Tobias Roth (H&W): Stichprobendefinition, statistische Auswertung, Grafik, Berichtredaktion
Christian Stickelberger (H&W): GIS, Feldprotokolle
Patrik Zolliker (WTS): Unterstützung in der Administration und in der Logistik

Autoren

Beatrice Nussberger, Tobias Roth

Zitiervorschlag

Nussberger & Roth 2020: Bericht Wildkatzenmonitoring Schweiz: Verbreitung, Dichte und Hybridisierung der Wildkatze in der Schweiz. Ergebnisse der zweiten Erhebung 2018/20. Wildtier Schweiz.

Notabene: Es ist vorgesehen, dass dieser Bericht 2021 aktualisiert und ergänzt wird.

Fotonachweis

Titelbilder: JP Perruchoud

Dank

Wir danken allen Feldmitarbeiterinnen und Feldmitarbeitern, sowie den kantonalen Koordinatoren, ohne die dieses Projekt nicht hätte umgesetzt werden können:

AG: Lars Begert, Lisa Lutz, Christian Tesini, Stefan Weber, Daniel Zuppinger

BE: Christof Angst, Marco Catocchia, Bruno Dauwalder, Romeo De Monaco, Fritz Dürig, Claude Etienne, Remo Glaus, Ueli Haussener, Jürg Knutti, Ruedi Kunz, Walter Kunz, Yves Portmann, Simon Quinche, Andreas Rubin, Paul Schmid, Martin Schmid, Martin Schürmann, Thomas Schwarzenbach, Peter Schwendimann, Peter Siegenthaler, Peter Sommer, Thierry Studer, Daniel Trachsel, Louis Tschanz

BL: Tanja Breda, Dieter Jermann, Pascal Schweizer, Gabriel Sutter, Peter Zimmermann

BS: Walo Stiegeler

FR: Gérald Bossy, Elmar Bürgy, François Equey, José Genoud, Reto Hässig, Simon Jaffrédou, Pascal Kämpfer, Fabrice Maradan, Martin Mauron, Guy Menoud, Xavier Merz, Erich Peissard, Maxime Pellissier, Elias Pesenti, Pascal Riedo, Patrick Romanens

GE: Benjamin Allen, Tamara Müller, Jean-Pierre Perruchoud, Luc Rebetez, Julie Rossier

JU: Emilie Berberat, Lucas Lometti, Jean-Claude Schaller

LU: Alois Bieri, Michael Grüter, Paul Huber, Christian Hüsler, Erhard Jauch, Martin Kottmann, Pascal Ludin, Roland Luternauer, Paul Merz, Beat Meyer, Markus Müller, Erwin Rupp, Daniel Schmid, Beat Thalmann, Bruno Vogel, Heidi Vogler, Josef Zemp

NE: Sébastien Bardet, Fernand Dupré, Jean-Pierre Flück, Blaise Hofer, Damian Meier, Felix Rehsteiner, Gérard Sommer, Carine Vogel, Christian Zbinden

SH: Markus Gemperli, Michèle Vogelsanger

SO: Joachim Barmettler, Markus Borer, Niklaus Brunner, Mark Struch, Viktor Stüdeli, Hans Wampfler, Heinrich Wehrli, Kevin Wehrli

TG: Bettina Schär, Michael Vogel

VD: Antonio Biancaniello, Patrick Deleury, Alain Fazan, Pierre Henrioux, Luc Jacquemettaz, Christian Jaquet, Mario Laffely, Stéphane Mettraux, Dominique Morel, Beatrice Nussberger, Jacques Berlie, Yves Pfund, Kim Pieracci, Jean-Claude Roch, Alain Seletto, Salvatore Terranova, Adrien Vallotton

ZH: Bettina Schär.

Wir danken ebenfalls allen, die uns Zufallsproben beschafft haben:

Andreas und Iris Boldt, Urs Grossniklaus, Ueli Haussener, Pierre Henrioux, Andreas Hunziker und Michèle Vogelsanger, Luc Jacquemettaz, Christian Jaquet, Iris Marti und weitere MitarbeiterInnen des FIWI (Zentrum für Fisch- und Wildtiermedizin, Universität Bern), Xavier Merz, Jean-Pierre Perruchoud, Kim Pieracci, André Pontet, Walo Stiegeler, Gabriel Sutter.

Stets sehr angenehm, wertvoll und verdankenswert war auch die Zusammenarbeit mit den Mitarbeitern und Mitarbeiterinnen der Universität Zürich und der ETH Zürich: Glauco Camenisch, Lukas Keller, und Ursina Tobler (UZH IEU), sowie Silvia Kobel und Aria Minder (ETHZ GDC)

Schliesslich bedanken wir uns bei unserem Auftraggeber BAFU für den Gesamtauftrag des Projekts und bei den kantonalen Jagdverwaltungen, dass sie die FeldmitarbeiterInnen stellten und die Feldarbeitskosten übernahmen. Für ihre zusätzliche finanzielle Unterstützung des Projekts danken wir ganz besonders den Kantonen VD, GE, LU, AG, SO.

Inhaltsverzeichnis

Impressum	2
Dank	3
Inhaltsverzeichnis	4
Ausgangslage	5
Die Situation der Wildkatze in der Schweiz	5
Ziele des Wildkatzenmonitorings	5
Methoden	6
Stichprobe und Feldmethode	6
Zufallsproben	7
Genetik	8
Vergleich Erst- und Zweiterhebung	9
Ergebnisse	10
Wildkatzenverbreitung 2020	10
Potenzielle Wildkatzenverbreitung	11
Höhenverbreitung der Wildkatze	11
Entwicklung der Wildkatzenverbreitung im Jura gegenüber 2010	12
Entwicklung der Wildkatzenverbreitung in den Untersuchungsflächen	13
Entwicklung der Wildkatzenverbreitung im gesamten Jura	13
Wildkatzendichte 2020	14
Entwicklung der Wildkatzendichte im Jura gegenüber 2010	16
Hybridisierungsgrad zwischen Wild- und Hauskatzen 2020	17
Entwicklung des Hybridisierungsgrads gegenüber 2010	19
Zufallsproben	20
Zahlenübersicht	22
Fazit und Ausblick	24
Verbreitung	24
Dichte	24
Hybridisierung	24
Literatur	25
Anhang	26

Ausgangslage

Die Situation der Wildkatze in der Schweiz

Die Europäische Wildkatze (*Felis silvestris*, Schreber 1777) war seit der Jungsteinzeit im Mittelland und dem Jura weit verbreitet. Sie wurde jedoch im Verlauf des 18. und 19. Jahrhunderts stark dezimiert, durch direkte Verfolgung und Lebensraumverlust. Sie war um 1950 vielleicht sogar vollständig aus der Schweiz verschwunden. Seit 1962 ist sie in der Schweiz geschützt. Seither breitet sie sich allmählich wieder aus (Nussberger et al. 2007). Möglicherweise haben auch einige Aussetzungen in den 1970 Jahren zu dieser Wiederausbreitung beigetragen.

Die Art gilt in der Roten Liste der Schweiz als verletzlich (Capt 2020), insbesondere wegen ihrer Hybridisierung mit Hauskatzen (*Felis catus*, domestizierte Form von *Felis lybica*, der Afrikanischen Wildkatze). Sie hat eine hohe nationale Priorität im Artenschutz (BAFU 2019). Das systematische Überwachen der Verbreitung, der Bestandsgrösse und des Hybridisierungsgrads der Wildkatzen ist wichtig, insbesondere um die Gefährdungsklasse der Wildkatzen gemäss den Kriterien der Roten Liste zu bestimmen.

2008 wurde das Projekt «Wildkatzenmonitoring Schweiz» gestartet, um die Verbreitung der Art in der Schweiz regelmässig und systematisch zu bestimmen (Weber et al. 2010). Das Monitoring basiert auf einer systematischen Erhebung des Wildkatzenvorkommens im Jura, mit Ausschluss gewisser Gebiete, die a priori als wildkatzenfrei betrachtet werden. Das Mittelland galt bei der Ersterhebung 2008/10 als nicht besiedelt (Nussberger et al. 2007). Seit der ersten Erhebung des Monitorings 2008/10 konnte die Wildkatze aber durch punktuelle Zufallsfunde neu auch im Mittelland und sogar in der Alpennordflanke genetisch nachgewiesen werden. Für die zweite Erhebung 2018/20 wurde die Stichprobe deshalb mit Aufnahmeflächen im Mittelland und der Alpennordflanke (gemäss biogeographischen Regionen der Schweiz) ergänzt.

Gemäss Ersterhebung kamen Wildkatzen auf 223-1302 km² vor (Weber et al. 2010), was 5-30% der biogeographischen Region des Jura entspricht. Der Bestand wurde auf einige Hundert Individuen geschätzt (159-930). Zirka 20% der Wildkatzen waren Hybriden (Nussberger et al. 2014).

Der vorliegende Bericht dokumentiert die Situation der Wildkatze in der Schweiz in Bezug auf Verbreitung, Bestand und Hybridisierungsgrad in den Wintern 2018/19 und 2019/20 und wie sie sich in den letzten 10 Jahren geändert hat.

Ziele des Wildkatzenmonitorings

Die Bestandsaufnahme im Auftrag des BAFU bezweckt folgendes:

- Aktuelle Verbreitungskarte der Vorkommen der Wildkatzen aus Jura, Mittelland und Alpennordflanke erstellen (Vorkommenswahrscheinlichkeit pro km²)
- Wildkatzendichte schätzen (Anzahl Wildkatzen pro km²)
- Hybridisierungsrate der Wildkatzen schätzen
- Änderungen der Verbreitung, Dichte und Hybridisierungsrate gegenüber der ersten Erhebung des Monitorings 2008/10 erfassen

Die Aussagegenauigkeit richtet sich nach den Bedürfnissen des Bundes. Es wird eine Präzision angestrebt, die die wichtigen Informationen für den biogeographischen Raum «Jura» liefert. Feinere Aussagen, etwa für einzelne Kantone, werden nicht angestrebt. Es geht auch nicht darum, möglichst alle Wildkatzen, die in der Schweiz leben, zu erfassen. Bei diesem Langzeitmonitoring geht es vielmehr darum, die Veränderung des Verbreitungsmusters, der Dichte und der Hybridisierungsrate über die Jahrzehnte auf landesweiter Ebene, systematisch und reproduzierbar zu erfassen. Wichtig dafür ist, dass die Erhebungen möglichst methodengleich wiederholt werden.

Methoden

Stichprobe und Feldmethode

Um das Vorkommen, die Dichte und den Hybridisierungsgrad von Wildkatzen genetisch nachzuweisen, wurden Wildkatzen auf vordefinierten Stichprobenflächen (Kilometerquadrate) angeregt sich an Baldrian-Lockstöcken zu reiben. Beim Reiben hinterlassen die Wildkatzen Haare an diesen Stöcken, die dann als Probe eingesammelt werden. Die Stichprobendefinition und die angewandte Feldmethode, um solche Wildkatzen-Haarproben zu sammeln, wurde in einer Feldanleitung ausführlich beschrieben (Nussberger 2018).

Die Stichprobe der Zweiterhebung besteht aus 256 Flächen von je einem Quadratkilometer, regelmässig über den Jura, das Mittelland und die Alpennordflanke verteilt (Abb. 1, Tab. 1). Die eine Hälfte der Flächen wurde im Winter 2018/19, die andere im Winter 2019/20 beprobt (Abb. 1). In den Stichprobenflächen wurden in der Regel je 3 Latten fünfmal im 14-Tage Rhythmus nach Haaren abgesucht. Einige Flächen wurden jedoch häufiger kontrolliert (vor allem infolge der Stürme im Februar 2020, welche die Haarsammlung beeinträchtigten), andere weniger (vor allem schneebedingt). Zehn (4%) der 256 Untersuchungsflächen konnten nicht korrekt beprobt werden. Der Ausgangspunkt des systematischen 5 x 5 km Rasters, worauf die Stichprobenauswahl basiert, wurde zufällig gewählt. Von der Stichprobe a priori ausgeschlossen wurden die Quadrate mit weniger als 10 ha Wald, der >200 m von Siedlungen entfernt liegt, sowie jedes zweite Quadrat, in welchem mehr als 90% der Fläche oberhalb von 1000m liegt. Von jenen Kilometerquadraten, die im Mittelland und in der Alpennordflanke liegen, wurde ebenfalls nur die zufällig ausgewählte Hälfte bearbeitet. Zudem wurden dort nur Flächen berücksichtigt, die weniger als 20% Siedlung enthalten.

Zu diesen regelmässig verteilten, regulären Stichprobenflächen kamen noch 35 Zusatzflächen dazu, die ebenfalls mit der standardisierten Monitoring-Methode bearbeitet wurden. Diese Zusatzflächen wurden von kantonalen Fachstellen, Feldmitarbeitern und Feldmitarbeiterinnen oder Privaten vorgeschlagen – oft in Folge konkreter Sichtungen von wildkatzenähnlichen Katzen.

Tab. 1: Anzahl der Untersuchungs-Quadrate pro Kanton* (Mittelland und Alpennordflanke nur 50% der Flächen auf dem zufällig gewählten, systematischen 5 x 5 km Raster). Die nach dem Plus angegebene Zahl steht für die Anzahl Zusatzflächen. In Klammern nach dem Minus stehen die nicht machbaren Flächen.

AG	BE	BL	BS	FR	GE	JU	LU	NE	SH	SO	TG	VD	ZH
22+7 (-1)	58+3 (-7)	13	1	16+4	4+10	23	15	21+3	8+1	22+3	4+1	39+1 (-2)	10+2

*) Die Quadrate werden hier dem Kanton mit dem grössten Anteil an der Quadratfläche zugeteilt.

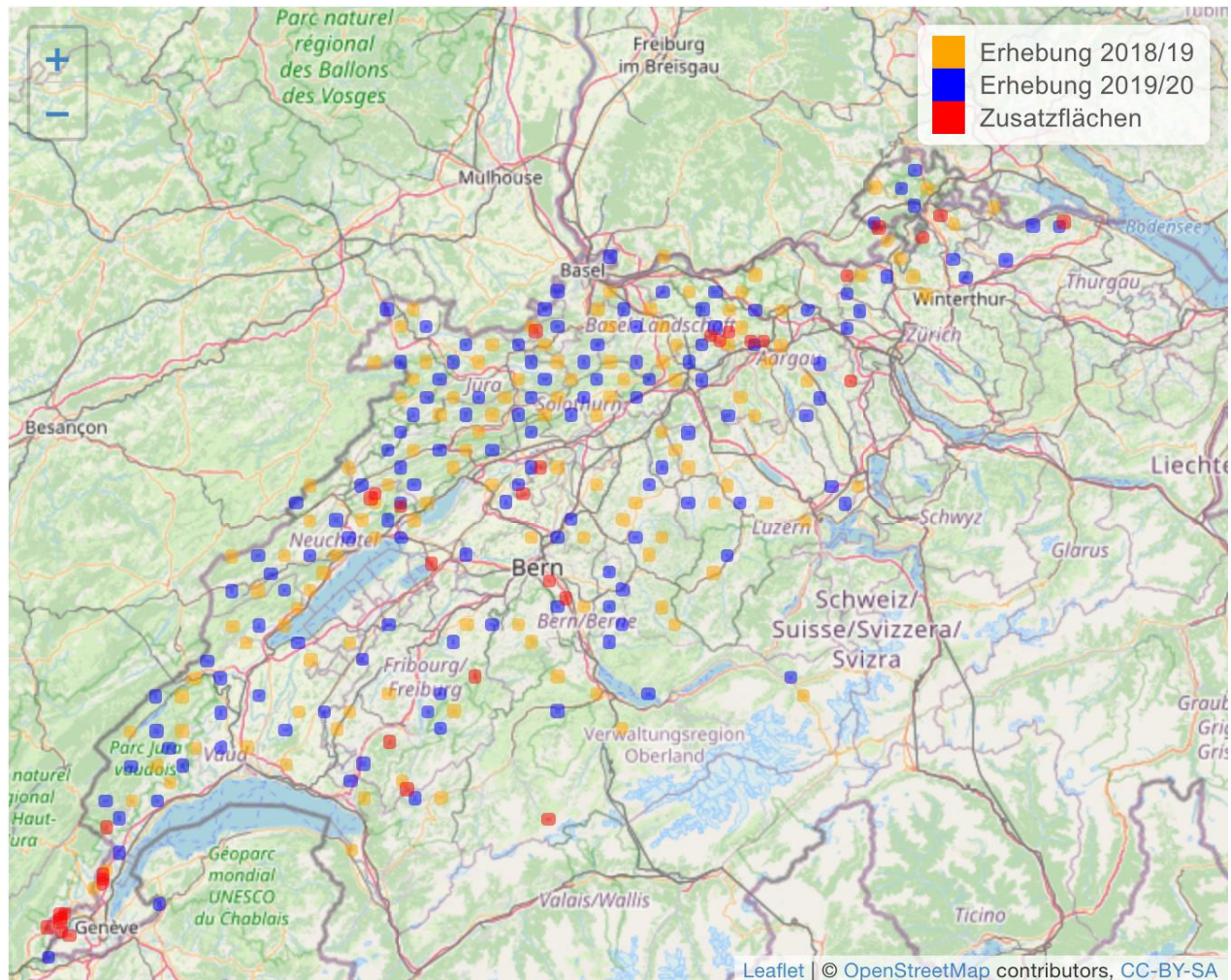


Abb. 1: Standorte der Stichprobenflächen, die in den Wintern 2018/19 (orange), bzw. 2019/20 (blau) erhoben wurden, sowie Standorte der Zusatzflächen (rot).

Zufallsproben

Die Datengrundlage für Wildkatzennachweise in der Schweiz wurde mit 52 Proben erweitert, die zwischen Oktober 2015 bis August 2020 zufällig gefunden wurden. Es handelt sich dabei hauptsächlich um getigerte Katzen, die von der Wildhut tot aufgefunden und eingesammelt wurden. Mitarbeitende des Zentrums für Fisch- und Wildtiermedizin, Universität Bern (FIWI) haben die meisten dieser Katzenkadaver veterinärmedizinisch untersucht und uns Proben davon übergeben, zur genetischen Bestimmung im Rahmen des Wildkatzenmonitorings. Einige Totfundproben erhielten wir auch direkt von den Wildhütern. Weitere Zufallsproben waren Haare von Katzen, die Private auf eigene Faust an Lockstöcken gesammelt oder an ihren Hauskatzen mit vermeintlichen Wildkatzenverfahren ausgezupft haben. Zudem erhielten wir etliche Fotos und Fotofallen-Bilder von Katzen mit mehr oder weniger wildkatzentypischem Fellmuster, allerdings ohne Proben zur genetischen Bestätigung der Artbestimmung. Nachweise nur aus Bildern wurden hier nicht weiter analysiert.

Die Zufallsproben wurden analog den systematisch gesammelten Haarproben genetisch untersucht (siehe Kapitel «Genetik»). *Proben, die nach August 2020 eingegangen sind, konnten noch nicht genetisch bestimmt werden. Sie werden voraussichtlich im Frühling 2021 analysiert.*

Die Zufallsproben wurden nicht in die Auswertungen einbezogen, weder in die Habitat-Modelle, womit wir Verbreitung und Dichte schätzten, noch für die Hybridisierungsrate. Denn sie sind weniger repräsentativ für die etablierte Wildkatzenpopulation als die systematisch erhobenen Monitoring-Haarproben. Bei den überfahrenen Individuen handelt es sich oft um Jungtiere, die sich noch ein neues Territorium gesucht haben und somit am Fundort wahrscheinlich nicht ansässig waren. Auch Katzen, die von Fotofallen nur einmal erfasst werden, fernab vom Wildkatzen-Verbreitungsschwerpunkt, sind vielleicht nur auf Streifzug und widerspiegeln somit nicht zwingend eine etablierte Wildkatzenpopulation. Auch das Meldeverhalten der Finder verzerrt womöglich das Verbreitungsbild. In Gebieten, in denen Wildkatzen als selten oder abwesend gelten, wird vielleicht mehr Aufwand betrieben, eine vermeintliche Wildkatze zur Untersuchung einzuschicken, als in Gebieten, in denen die Wildkatzenanwesenheit schon gut bekannt ist.

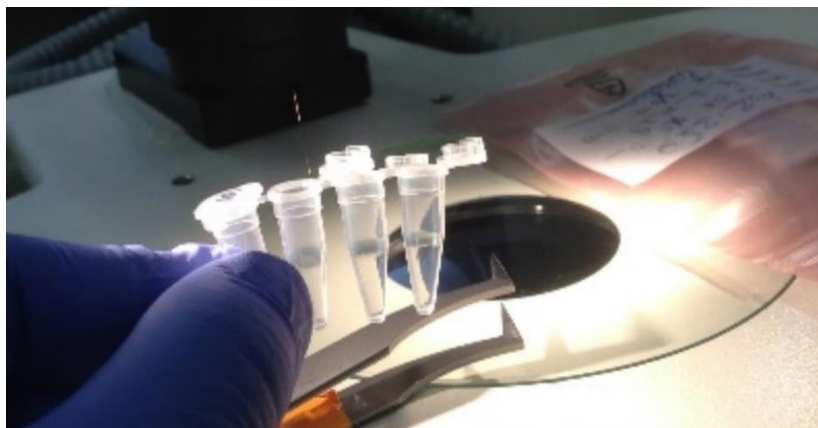
Die Zufallsproben sind aber interessant, um neue Ausbreitungstendenzen frühzeitig zu dokumentieren. Ferner ist es wichtig, dass die veterinärmedizinisch untersuchten Katzen eindeutig einer bestimmten Katzenkategorie (Wildkatze, Hauskatze oder Hybride) zugeordnet werden, so dass die veterinärmedizinischen Befunde artspezifisch ausgewertet werden können.

Genetik

Zur sicheren Unterscheidung von Wild- und Hauskatzen und deren Hybriden müssen Proben mit molekulargenetischen Methoden untersucht werden. Wildkatzen leben natürlicherweise in geringen Dichten und sind hauptsächlich dämmerungs- und nachtaktiv. Wildkatzen werden darum nur selten beobachtet, und dies oft bei schlechtem Licht. Allein aufgrund des Erscheinungsbildes bzw. des Fellmusters können Wildkatzen nicht immer sicher bestimmt werden, denn es gibt Hauskatzen mit wildkatzenähnlichem Aussehen und Hybriden können die ganze Palette an Fellmuster der beiden Elternarten aufweisen. Der Hybridisierungsgrad eines Individuums kann nicht anhand des Äusseren erkannt werden.

Wir haben die an den Lockstöcken gesammelten Haare mit molekulargenetischen Methoden untersucht und so die genetischen Profile der Katzen bestimmt, von denen die Haare stammten (Nussberger et al. 2013, Nussberger et al. 2014a und b). Damit konnte die Art, das einzelne Individuum und sein Hybridisierungsgrad bestimmt werden.

Ein Haarprobenbeutel von einem bestimmten Lockstock-Kontrollgang kann Haare von verschiedenen Tieren enthalten. Deshalb wurden die Haare, die zusammen an einem Standort gefunden wurden und in einem gleichen Beutel eingereicht wurden, in der Regel einzeln untersucht.



Die Haare aus den Probebeuteln werden einzeln unter dem Mikroskop begutachtet. Ist eine Haarwurzel erkennbar, wird das Haar anschliessend genetisch untersucht.

Die Hauptschritte der genetischen Untersuchung im Labor sind: Aussortieren der a priori unbrauchbaren Proben; Extrahieren der DNA der einzelnen Haare mit Haarwurzel und Quantifizieren der darin enthaltenen katzenspezifischen nuklear-DNA; bei den Proben mit einer Mindestmenge an Katzen-DNA: Amplifizieren der Genmarker mit PCR-Reaktion und Genotypisieren dieser Genmarker (mit Fluidigm Technologie). Unter «Genotypisieren von Genmarker» versteht sich hier das Bestimmen der Genvarianten (Allele) an 96 Stellen im Erbgut. Diese 96 Stellen, SNPs (single nucleotide polymorphism), bilden ein diagnostisches Genmarker-Set. Beim Genotypisieren ergibt sich für jede untersuchte Probe ein individueller Genotyp.

Anhand dieser Genotypen kann basierend auf Bayesianischer Statistik ermittelt werden, wie wahrscheinlich ein Haar von einer Wildkatze, einer Hauskatze oder einem Hybriden der ersten oder zweiten Generation stammt. Es werden vier Hybridkategorien unterschieden: F1 (50%-Wildkatze, mehrheitlich heterozygot), F2 (50%-Wildkatze, homo- und heterozygot), Rückkreuzung in Wildkatze (75%-Wildkatze), Rückkreuzung in Hauskatze (25%-Wildkatze). Dazu wird die Software NewHybrids benutzt (Anderson & Thompson 2002).

Einige Haare enthielten nicht genügend nuklear-DNA einer Katze für das vollständige Genotypisieren aller Genmarker – entweder, weil das Haar gar nicht von einer Katze stammte, oder weil das Katzenhaar bereits zu stark zerfallen war. Da in einem Haar viele Mitochondrien aber nur ein Zellkern vorliegt, gelingt die Analyse der mitochondrial-DNA (mtDNA) öfter als die der Kern-DNA (nuklear-DNA). So enthielten gewisse Katzenhaare zwar zu wenig nuklear-DNA für eine Bestimmung auf Individuen-Niveau, aber genügend mtDNA, um wenigstens die Artzugehörigkeit annähernd zu bestimmen. Die Artzugehörigkeit mit mtDNA zu bestimmen ist weniger genau als mit nuklear-DNA. Denn die mtDNA widerspiegelt nur die Herkunft des Erbguts mütterlicherseits. Eine Wildkatze, die auf ihrer mütterlichen Linie vor vielen Generationen einmal eine Hauskatzen-Urahnin hatte, würde fälschlicherweise als Hauskatze bestimmt werden. Nur anhand der mtDNA kann weder das Individuum noch sein Hybridisierungsgrad bestimmt werden.

Verbreitung, Dichte und Hybridisierung wurden weitestgehend anhand der nuklear-DNA Ergebnissen berechnet. Hybriden wurden in den Berechnungsmodellen zur Verbreitung und Dichte ausgeschlossen. Wildkatzen, die gemäss nuklear-DNA Wildkatzen sind, aber einen hauskatzentypischen mtDNA-Haplotyp tragen, wurden in den Analysen auch als Wildkatzen berücksichtigt. Beim Vergleich zwischen Erst- und Zweiterhebung beruhten die Präsenz-Absenz-Daten aber nur auf den mtDNA-Ergebnissen (siehe Erklärungen im folgenden Kapitel). Alle Katzen mit wildkatzentypischer mtDNA wurden dabei als Wildkatzen nachweis gezählt (auch die Hybriden), alle Katzen mit hauskatzentypischer mtDNA als Hauskatzen nachweis gezählt (auch die Katzen, die gemäss nuklear-DNA Wildkatzen waren).

Vergleich Erst- und Zweiterhebung

Bei der ersten Erhebung des Wildkatzenmonitorings in den Jahren 2008/10 waren nur Präsenz-Absenz-Daten verfügbar, denn damals wurden die Haarproben nur auf mitochondrial-DNA (mtDNA) untersucht (Weber et al. 2010). Die verschiedenen beprobten Katzen waren somit nicht individuell unterscheidbar und genauere, Individuen-basierte Datenauswertungen waren damals nicht möglich. Alle gesammelten Haare aus der Ersterhebung, die nach der mtDNA-Analysen übrigblieben, wurden aber später im Rahmen einer Dissertation auf nuklear-DNA untersucht (Nussberger 2013, Nussberger et al. 2014). Für die Analysen der nuklear-DNA standen jedoch nicht mehr alle Haare, die eingesammelt wurden, zur Verfügung, da ca. 1-6 Haare pro Haarprobensäckchen für die mtDNA-Analysen vorgängig aufgebraucht wurden. Dieser Verlust an Haarproben könnte die Resultate betreffend Anzahl Individuen verzerren, so dass wir auf nachträgliche Dichteschätzungen anhand dieser Daten verzichtet haben. Wir haben die Daten aber für die Schätzung des Anteils der Hybriden verwendet, da wir annehmen, dass Haare von Wildkatzen und Hybriden gleichermassen aus unserer Probe für die nachträgliche nuklear-DNA-Analyse ausgeschieden sind.

Ergebnisse

Wildkatzenverbreitung 2020

Wildkatzen besiedeln aktuell vorwiegend den Jurabogen (Abb. 2). Sie kommen mehrheitlich in den tiefergelegenen Quadraten mit einem hohen Waldanteil vor (Tab. 2). Dies ergibt sich aus der Korrelation zwischen den Wildkatzenvorkommen (Präsenz/Absenz) und der mittleren Höhe, dem Waldanteil und dem Siedlungsanteil der untersuchten Kilometerquadrate. Die linearen und quadratischen Terme der X- und Y-Koordinaten werden ebenfalls als Prädiktoren ins Modell einbezogen. Damit wird die Tatsache berücksichtigt, dass die Wildkatze aktuell hauptsächlich im Jura vorkommt und viele theoretisch geeignete Kilometerquadrate im Mittelland und der Alpennordflanke (noch) nicht besiedelt sind. Die Schätzungen basieren auf den Daten der Erhebung 2018/20 auf den regulären Flächen und den Zusatzflächen aus Jura, Mittelland und Alpennordflanke.

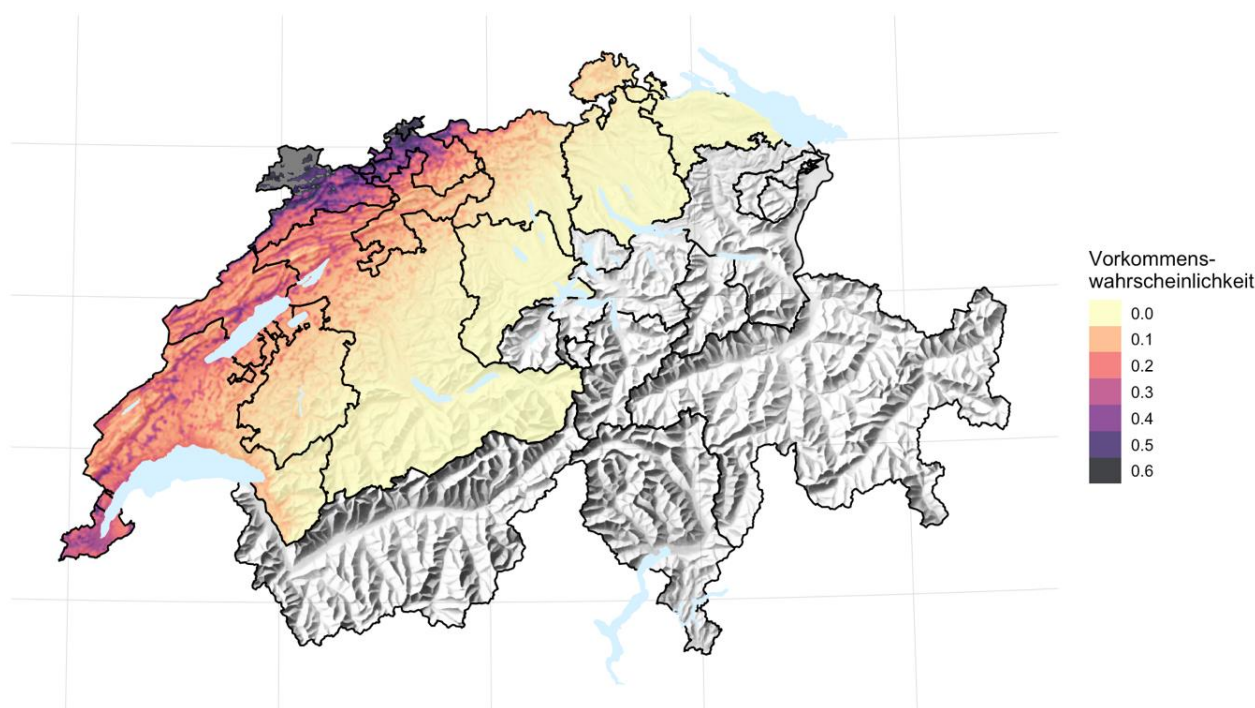


Abb. 2: Modellierte Wildkatzenverbreitung 2020. Die Karte zeigt die geschätzte Vorkommenswahrscheinlichkeit der Wildkatze pro Kilometerquadrat: je dunkler die Farbe desto wahrscheinlicher kommt die Wildkatze vor. Die Schätzung basiert auf der Erhebung 2018/20 auf regulären Flächen und Zusatzflächen aus Jura, Mittelland und Alpennordflanke.

Tab. 2: Wildkatzenvorkommen der Erhebung 2018/20 im gesamten Untersuchungsgebiet, erklärt mit verschiedenen Variablen, die die Untersuchungsflächen beschreiben. Die Resultate basieren auf einem generalisierten linearen Modell mit einer logit-Linkfunktion.

Variable	Steigung	Standardfehler	P-Wert
Höhe (Effekt pro 100m)	-0.099	0.077	0.198
Waldanteil (Effekt pro 1%)	1.599	0.708	0.024
Siedlungsanteil (Effekt pro 1%)	-0.254	2.891	0.930

Potenzielle Wildkatzenverbreitung

Werden im Verbreitungsmodell die X- und Y-Koordinaten als Prädiktoren weggelassen, ergibt sich eine Karte der potenziellen zukünftigen Verbreitung (Abb. 3). Damit zeigt sich, dass theoretisch noch viele Kilometerquadrate im Mittelland und auf der Alpennordflanke für die Wildkatze geeignet sind. Da wir bei der Stichprobenauswahl die Gebiete mit den höchsten Siedlungsanteilen ausgeschlossen haben, sind die Vorhersagen für die dichtesten Siedlungsgebiete nicht besonders verlässlich. *Um die für Wildkatzen geeigneten Flächen noch feiner zu erfassen, wird 2021 ein detaillierteres Habitat-Modell an der ETHZ ausgearbeitet (Masterarbeit Émilie Berberat).*

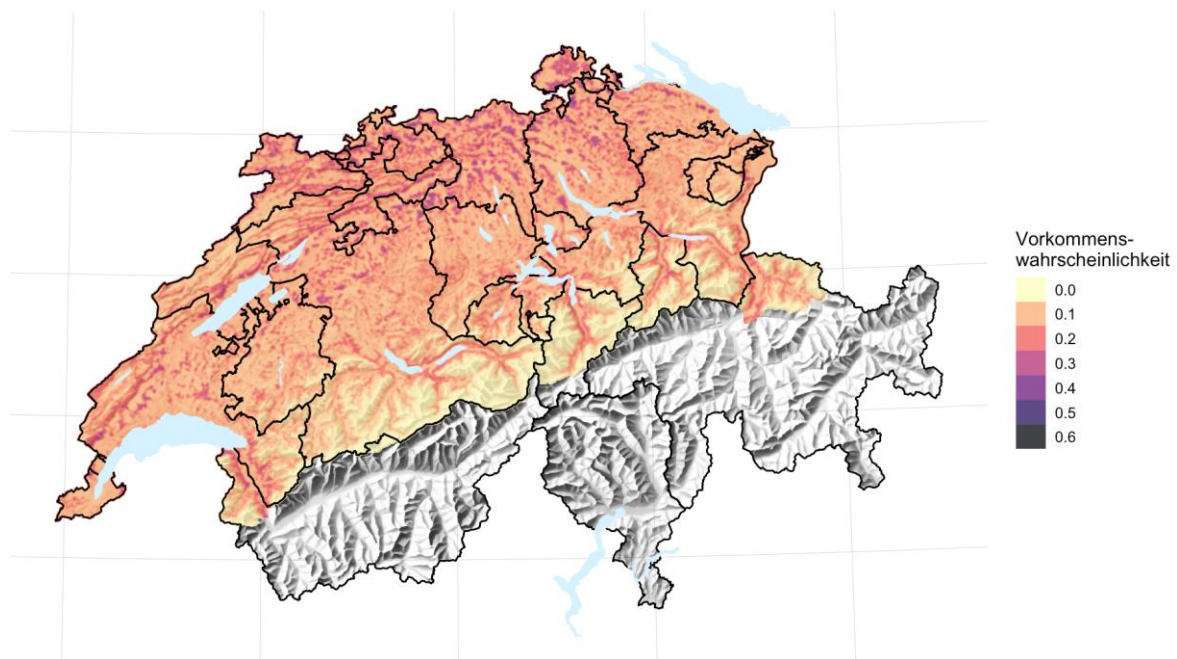


Abb. 3: Potenzielle Wildkatzenverbreitung. Die Karte zeigt die Eignung der Kilometerquadrate aufgrund ihrer mittleren Höhe, ihres Waldanteils und ihres Siedlungsanteils: je dunkler die Farbe desto geeigneter ist die Fläche. Die Schätzung basiert auf der Erhebung 2018/20 auf regulären Flächen und Zusatzflächen aus Jura, Mittelland und Alpennordflanke.

Höhenverbreitung der Wildkatze

Die Medianhöhe der Flächen, in denen Wildkatzen nachgewiesen wurden, lag im Durchschnitt bei 666m ü. M.. Der höchstgelegene Wildkatzen-Nachweis gelang im Gebiet Le Petit Risoux, bei Crêt à Chatron (VD), auf 1'179m (24.2.20, 19.3.20 und 6.4.20). Der tiefste Wildkatzen-Standort lag bei Aarau, im Aarschächli (AG), südlich der Aare auf 357m (9.3.20 und 23.3.20).

Entwicklung der Wildkatzenverbreitung im Jura gegenüber 2010

Die Wildkatze hat sich nachweislich im Jura ausgebreitet (Abb. 4). Die Vorkommenswahrscheinlichkeit der Wildkatze im Jura hat sich zwischen 2010 und 2020 verdoppelt. Gemäss Ersterhebung kamen Wildkatzen auf 223-1302 km² vor (Weber et al. 2010), was 5-30% der biogeographischen Region des Jura entspricht. Für die Zweiterhebung schätzten wir die Anzahl der besetzten Kilometerquadrate im Jura auf 633-1732 km², was 15-40% der biogeographischen Region des Jura entspricht.

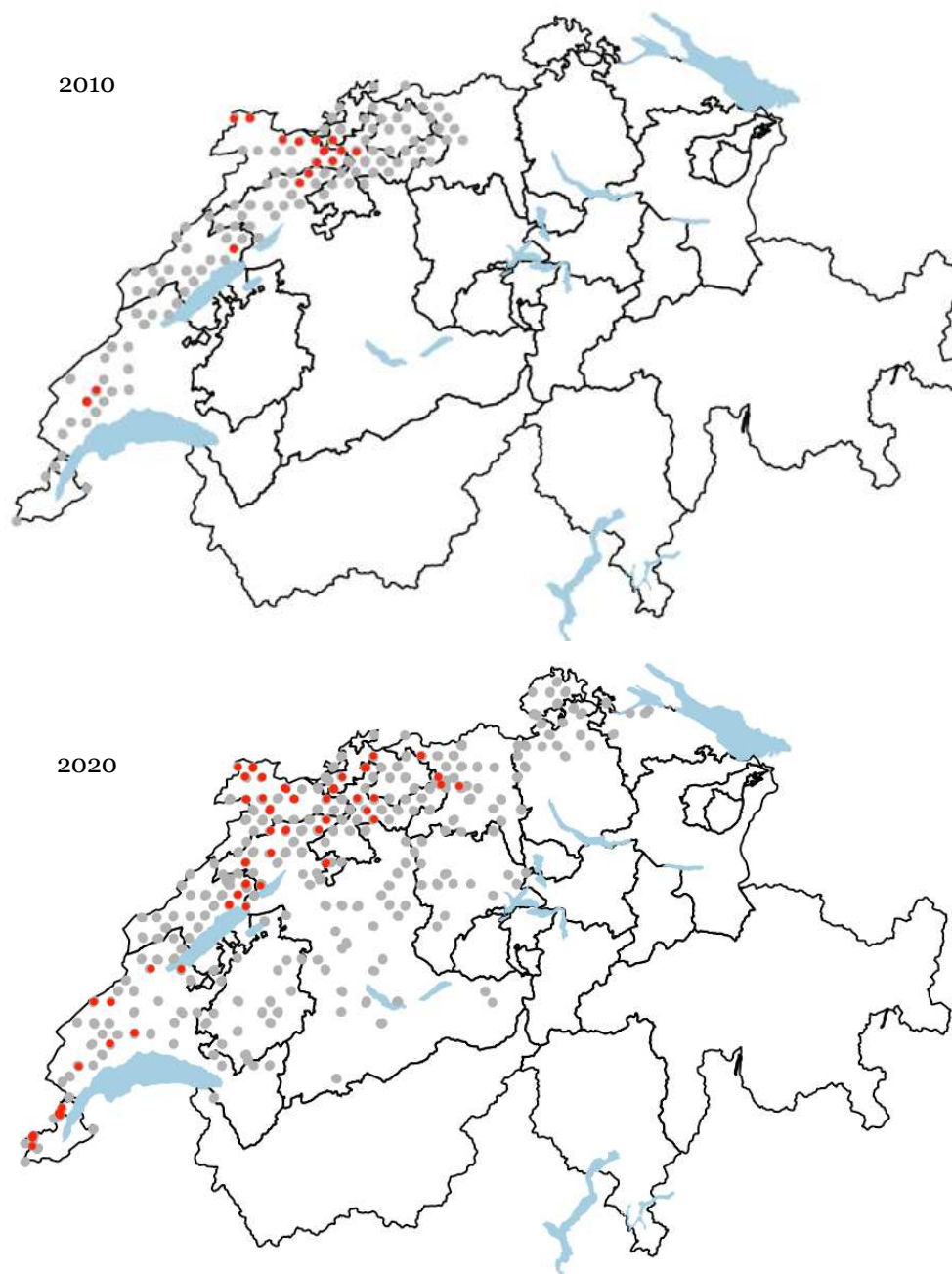


Abb. 4: Wildkatzenachweise in den Untersuchungsquadraten in Erst- und Zweiterhebung. In Grau dargestellt sind die Lockstock-Standorte ohne mtDNA-Wildkatzenachweise, in Rot die Lockstock-Standorte mit mtDNA-Wildkatzenachweisen. Bei der Ersterhebung 2008/10 waren es 16 von 122 Flächen mit Wildkatzenachweisen (13.2 %), bei der Zweiterhebung 2018/20, 48 von 281 Regulär- und Zusatzflächen (17.1 %). Betrachtet man nur die 121 Jura-Flächen, die in beiden Erhebungen beprobt wurden, liegt der Anteil an Flächen mit Wildkatzenachweisen bei 13.2% in der ersten und 27.3% in der zweiten Erhebung.

Entwicklung der Wildkatzenverbreitung in den Untersuchungsflächen

Im Jura wurden insgesamt 121 Quadrate sowohl während der Erst- als auch während der Zweiterhebung untersucht.

Während der Ersterhebung 2008/10 konnten in insgesamt 13.2% der untersuchten Jura-Kilometerquadrate Wildkatzen nachgewiesen werden, bis zur Zweiterhebung stieg der Anteil auf 27.3%. Unter Berücksichtigung der Entdeckungswahrscheinlichkeit betrug der Besetzungsgrad während der Ersterhebung 0.15 (95%-Konfidenzintervall von 0.09-0.24) und während der Zweiterhebung 0.31 (0.23-0.42), was einer Verdoppelung der besetzten Flächen entspricht.

Bei beiden Erhebungen war die Entdeckungswahrscheinlichkeit in etwa konstant: die Entdeckungswahrscheinlichkeit war 0.33 (0.21-0.46) während der Ersterhebung und 0.31 (0.24-0.4) während der Zweiterhebung. Als Entdeckungswahrscheinlichkeit definieren wir hier die Wahrscheinlichkeit, die Wildkatze in einem besetzten Quadrat während einer Begehung an mindestens einem der drei Lockstöcke nachzuweisen. Die Entdeckungswahrscheinlichkeit wurde mit einem Site-Occupancy Model berechnet (MacKenzie et al. 2002). Die Schätzung der Entdeckungswahrscheinlichkeit erfolgte dabei separat für die Daten der Erst- und Zweiterhebung.

Entwicklung der Wildkatzenverbreitung im gesamten Jura

Die oben erwähnten Resultate zu den untersuchten Flächen erlaubten Rückschlüsse auf die Entwicklung der Wildkatzenverbreitung im gesamten Jura. Dazu korrelierten wir das Vorkommen der Wildkatzen in den Untersuchungsflächen mit Eigenschaften der Untersuchungsflächen (Tab. 3 für 2010 und Tab. 4 für 2020). Basierend auf den gefundenen Zusammenhängen zwischen diesen Eigenschaften (erklärenden Variablen) und den Wildkatzenvorkommen, konnten wir dann die Gesamtverbreitung der Wildkatze im Jura in der Erst- und Zweiterhebung schätzen und miteinander vergleichen. Als erklärende Variablen verwendeten wir den Waldanteil (in %), den Siedlungsanteil (in %) und die Höhe über Meer (in 100m).

Während der Ersterhebung betrug die mittlere Wildkatzen-Vorkommenswahrscheinlichkeit im Jura 0.11 (CI: 0.05 - 0.23) pro Kilometerquadrat, unter Berücksichtigung der räumlichen Variablen Höhe, Waldanteil und Siedlungsanteil. Bei der Zweiterhebung stieg sie auf 0.25 (CI: 0.15 - 0.41) pro Kilometerquadrat.

Tab. 3: Wildkatzenvorkommen der Ersterhebung 2008/10 im Jura, erklärt mit verschiedenen Variablen, die die Untersuchungsflächen beschreiben. Die Resultate basieren auf einem generalisierten linearen Modell mit einer logit-Linkfunktion.

Variable	Steigung	Standardfehler	P-Wert
Höhe (Effekt pro 100m)	-0.036	0.134	0.786
Waldanteil (Effekt pro 1%)	3.535	1.528	0.021
Siedlungsanteil (Effekt pro 1%)	-0.672	5.102	0.895

Tab. 4: Wildkatzenvorkommen der Zweiterhebung 2018/20 im Jura, erklärt mit verschiedenen Variablen, die die Untersuchungsflächen beschreiben. Die Resultate basieren auf einem generalisierten linearen Modell mit einer logit-Linkfunktion.

Variable	Steigung	Standardfehler	P-Wert
Höhe (Effekt pro 100m)	-0.012	0.097	0.900
Waldanteil (Effekt pro 1%)	0.728	1.004	0.468
Siedlungsanteil (Effekt pro 1%)	-1.467	3.263	0.653

Die Wildkatze scheint im Jura weiterhin eher die tiefergelegenen Landschaften mit einem hohem Waldanteil und einem geringeren Siedlungsanteil zu bevorzugen (vgl. die Angaben zur Steigung in Tab. 4). Jedoch ist der Zusammenhang in der Zweiterhebung im Jura (Tab. 4) im Vergleich zur Ersterhebung (Tab. 3) oder zur Zweiterhebung im gesamten Untersuchungsgebiet (Tab. 2) viel weniger deutlich (alle P-Werte in Tab. 4 > 0.4). Die Wildkatze scheint im Jura mittlerweile eine so hohe Dichte erreicht zu haben, dass auch weniger geeignete Quadrate besiedelt werden. Der durchschnittliche Waldanteil in den Jura-Quadraten mit Wildkatzennachweisen lag in der Ersterhebung bei 69.8%, deutlich über dem durchschnittlichen Waldanteil in den untersuchten Jura-Kilometerquadraten von 56.3%. Die Wildkatzen schienen also Quadrate mit einem hohen Waldanteil zu bevorzugen ($p = 0.021$, Tab. 3). Bei der Zweiterhebung beträgt der Waldanteil der Jura-Quadrate mit Nachweisen nun aber nur noch 59.4% und ist somit ähnlich gross wie der Durchschnitt aller Untersuchungsquadrate. Im Jura scheinen die Wildkatzen im Bezug zum Waldanteil also nicht mehr so wählerisch zu sein. Dafür ist 2018/20 die Korrelation mit dem Siedlungsanteil gestiegen: je grösser der Siedlungsanteil desto geringer die Vorkommenswahrscheinlichkeit. Quadrate mit einem hohen Siedlungsanteil scheinen also weiterhin gemieden zu werden. Die Unsicherheit ist aber relativ gross (grosser Standardfehler, $p > 0.6$), unter anderem weil wir die Quadrate mit weniger als 10 ha Wald, der >200 m von Siedlungen entfernt liegt, aus der Stichprobe ausgeschlossen haben, und somit die Quadrate mit sehr hohen Siedlungsanteil nicht beprobt haben.

Wildkatzendichte 2020

Pro Stichprobenfläche von 1 km² konnten je nach Region 0 bis 4 Wildkatzen-Individuen nachgewiesen werden. Über alle Stichprobenflächen der Zweiterhebung gerechnet (ohne Zusatzflächen), liegt die mittlere Anzahl Wildkatzen-Individuen pro km² bei 0.23 ± 0.66 (\pm SD). Die Hauskatzendichte ist doppelt so hoch mit 0.47 ± 1.01 Hauskatzen pro km². Betrachtet man nur die Flächen im Jura ist die mittlere Anzahl Wildkatzen-Individuen pro km² mit 0.39 ± 0.85 deutlich höher. Die mittlere Hauskatzen-Dichte pro km² mit 0.49 ± 1.07 ist jedoch im Jura ähnlich hoch wie im gesamten Untersuchungsgebiet.

Die höchsten Wildkatzendichten werden vor allem in den tiefergelegenen Quadraten mit einem grossen Waldanteil erreicht (Abb. 5, Tab. 5). Diese Ergebnisse basieren auf einem Modell, das die gemessene Anzahl Individuen pro Quadratkilometer (Abundanz) mit der mittleren Höhe, dem Waldanteil und dem Siedlungsanteil korreliert. Die linearen und quadratischen Terme der X- und Y-Koordinaten werden ebenfalls als Prädiktoren ins Modell einbezogen, um die tatsächliche aktuelle Verbreitung besser zu berücksichtigen. Die Schätzungen basieren auf den Daten der Erhebung 2018/20 auf den regulären Flächen und den Zusatzflächen aus Jura, Mittelland und Alpennordflanke.

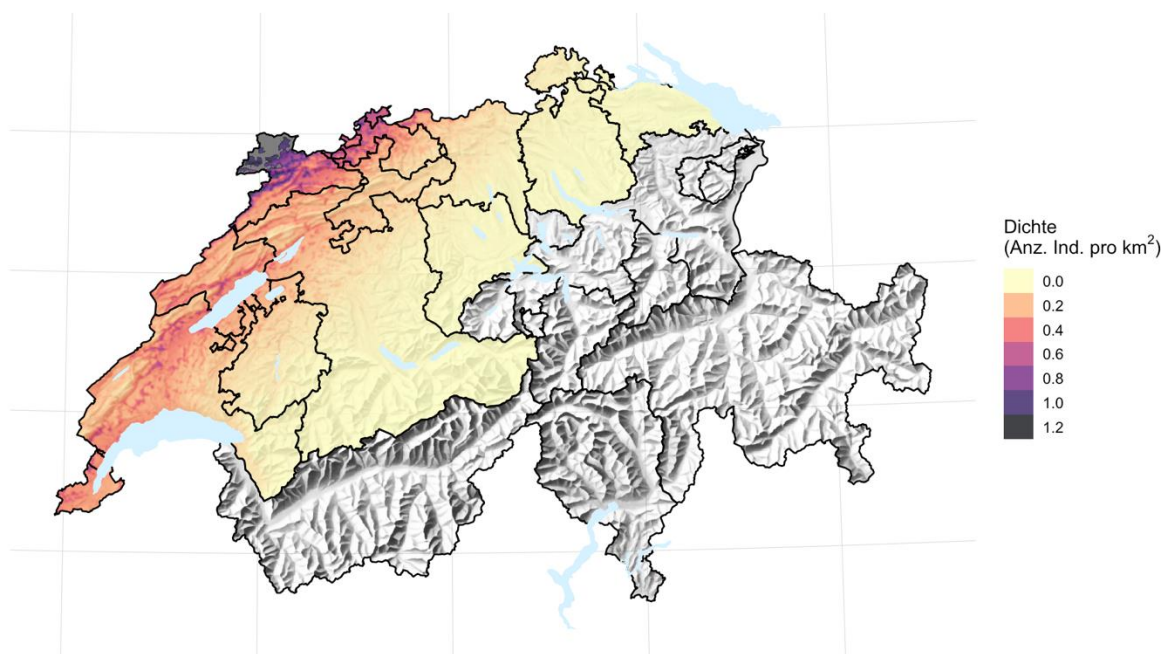


Abb. 5: Modellierte Wildkatzendichte 2020. Die Karte zeigt die geschätzte Anzahl Wildkatzen-Individuen pro Kilometerquadrat: je dunkler die Farbe desto dichter kommt die Wildkatze vor. Die Schätzung basiert auf der Erhebung 2018/20 auf regulären Flächen und Zusatzflächen aus Jura, Mittelland und Alpennordflanke.

Tab. 5: Wildkatzendichte (= Anzahl Wildkatzen pro Kilometerquadrat) in der Zweiterhebung, im gesamten Untersuchungsgebiet, erklärt mit verschiedenen Variablen, die die Untersuchungsflächen beschreiben. Die Resultate basieren auf einem generalisierten linearen Modell mit einer log-Linkfunktion und Poissonverteilung.

Variable	Steigung	Standardfehler	P-Wert
Höhe (Effekt pro 100m)	-0.095	0.060	0.116
Waldanteil (Effekt pro 1%)	1.367	0.539	0.011
Siedlungsanteil (Effekt pro 1%)	1.678	1.805	0.352

Der aktuelle Wildkatzenbestand im gesamten Untersuchungsgebiet (Jura, Mittelland und Alpennordflanke, Gesamtfläche = 19'125 km²) wird auf **rund 2500 Individuen** geschätzt, anhand des vorgängig beschriebenen Modells. Bei einer konservativeren Methode zur Individuenbestimmung (Ausschluss der Proben mit geringsten DNA-Mengen und somit fehleranfälligeren Bestimmung) sind es rund 2200 Individuen.

Die Schätzung des Wildkatzenbestands von rund 2200 und 2500 Individuen ist zwar jeweils mit einer ziemlich grossen Unsicherheit behaftet, dürfte jedoch in der richtigen Grössenordnung liegen. Einerseits wird bei der Schätzung nicht berücksichtigt, dass sich die Reviere der erfassten Individuen über mehrere Kilometerquadrate erstrecken können und Individuen in mehreren Kilometerquadraten auftauchen können. Damit wird der Gesamtbestand tendenziell überschätzt. Umgekehrt haben wir sicher einige Wildkatzen nicht nachweisen können, obwohl sie in den untersuchten Kilometerquadraten vorgekommen

sind, z.B. weil sich nicht alle Individuen an den Baldrian-Lockstöcken reiben und Haare an den Latten hinterlassen. Damit wird der Gesamtbestand unterschätzt. Das Monitoring ist nicht darauf ausgelegt, die möglichst genaue und präzise Anzahl an Wildkatzen zu ermitteln, sondern vielmehr die Bestandsentwicklung über die Zeit zu verfolgen, anhand einer systematisch und reproduzierbar messbaren Grösse, hier die Anzahl Individuen pro Quadratkilometer. Es ist anzunehmen, dass allfällige Verzerrungen, die zur Über- oder Unterschätzung der Bestände führen, sich zwischen den Erhebungen nicht signifikant unterscheiden. Die Schätzung sollte somit von Erhebung zu Erhebung vergleichbar sein, so dass die bezweckte Langzeitüberwachung der Populationsdynamik möglichst unverfälscht bleibt.

Um genauere Dichteschätzungen machen zu können, müsste ein Teil des Verbreitungsgebietes der Wildkatze mit einer deutlich grösseren Dichte an Stichprobenflächen untersucht werden. Auch könnte ein allfälliger Fehler wegen mangelnder Markieraktivität gewisser Individuen korrigiert werden, wenn besser bekannt wäre, welche Individuentypen weniger markieren (wegen geringerer Baldrianaffinität, eventuell korreliert mit gewissen ökologischen Umständen). Weitere Abklärungen in diese Richtung laufen zur Zeit im Rahmen einer Masterarbeit (Universität Bern, Samuel Cilloni).

Entwicklung der Wildkatzendichte im Jura gegenüber 2010

Der Wildkatzenbestand hat in den letzten Jahren deutlich zugenommen. Vor zehn Jahren wurde der Wildkatzenbestand auf einige hundert Individuen geschätzt. Nun wird er auf über 2000 Individuen geschätzt. Der Bestand hat sich mindestens verdoppelt, wahrscheinlicher sogar vervier- oder verfünffacht.

Um die Entwicklung seit 2010 genauer zu erfassen, müssten wir die Daten aus der Ersterhebung 2008/10 aber neu aufbereiten und anspruchsvollere Modelle erstellen. Die Verbesserungsmöglichkeiten werden 2021 abgeklärt.



Bestandszunahme im kleinsten Rahmen: Vier gut getarnte Wildkätzchen im Aargauer Jura. © Lars Begert

Hybridisierungsgrad zwischen Wild- und Hauskatzen 2020

Im Rahmen des Monitorings (reguläre Flächen und Zusatzflächen) wurden 68 Individuen mit Wildkatzen genen nachgewiesen. Davon trugen 10 Individuen auch Hauskatzen gene und waren somit Hybriden. Der Hybridenanteil in der Wildkatzenpopulation beträgt folglich **15%**. Der Hybridenanteil steigt auf 23,5%, wenn Hybridisierungsereignisse, die weiter als drei Generationen zurückliegen, mitberücksichtigt werden. Denn 6 Wildkatzen zeigten wildkatzentypische nukleare-DNA und hauskatzentypische mitochondriale-DNA. Dies spricht für Einkreuzungen, die über mindestens drei Generationen zurückliegen. Wie weit zurück diese Einkreuzungen tatsächlich liegen, kann allerdings nicht bestimmt werden. Es könnte sich zum Teil sogar um sogenannte «ancient polymorphisms» handeln, d.h. Genvarianten, welche Wild- und Hauskatzen noch von ihren gemeinsamen Vorfahren teilen.

Auf Populationsebene wird die Hybridisierungsrate sinnvollerweise in Genfluss zwischen den Wild- und Hauskatzenpopulationen ausgedrückt, wobei die Masseinheit der Migrantenanteil in der Population pro Generation ist. Der Genfluss von Hauskatzen zu Wildkatzen liegt aktuell bei einem Anteil von **0.033** (± 0.0115 , 95%-Konfidenzintervall) Migranten pro Generation. Der Genfluss von Wildkatzen zu Hauskatzen liegt bei **0.003** (± 0.003 , 95%-Konfidenzintervall).

Sieben Hybriden wurden im Jura nachgewiesen, drei im Mittelland (Abb. 6). Die Zufallsproben ermöglichten einen weiteren Hybridennachweis im Mittelland (Abb. 7). Es besteht zwar ein Trend, wonach Hybriden eher in tiefen und siedlungsreichen Quadranten vorkommen (Höhe $p=0.06$, Siedlungsanteil $p=0.2$, Waldanteil $p=0.63$, in einem Modell für Hybriden, analog zum in Tab. 2 beschriebenen Modell für Wildkatzen). Aber die Anzahl Hybriden ist zu gering, um statistisch gesicherte Aussagen zu erlauben.

Auffallend ist auch die geringe Anzahl Hauskatzen nachweise in den Kantonen Waadt und Neuenburg.

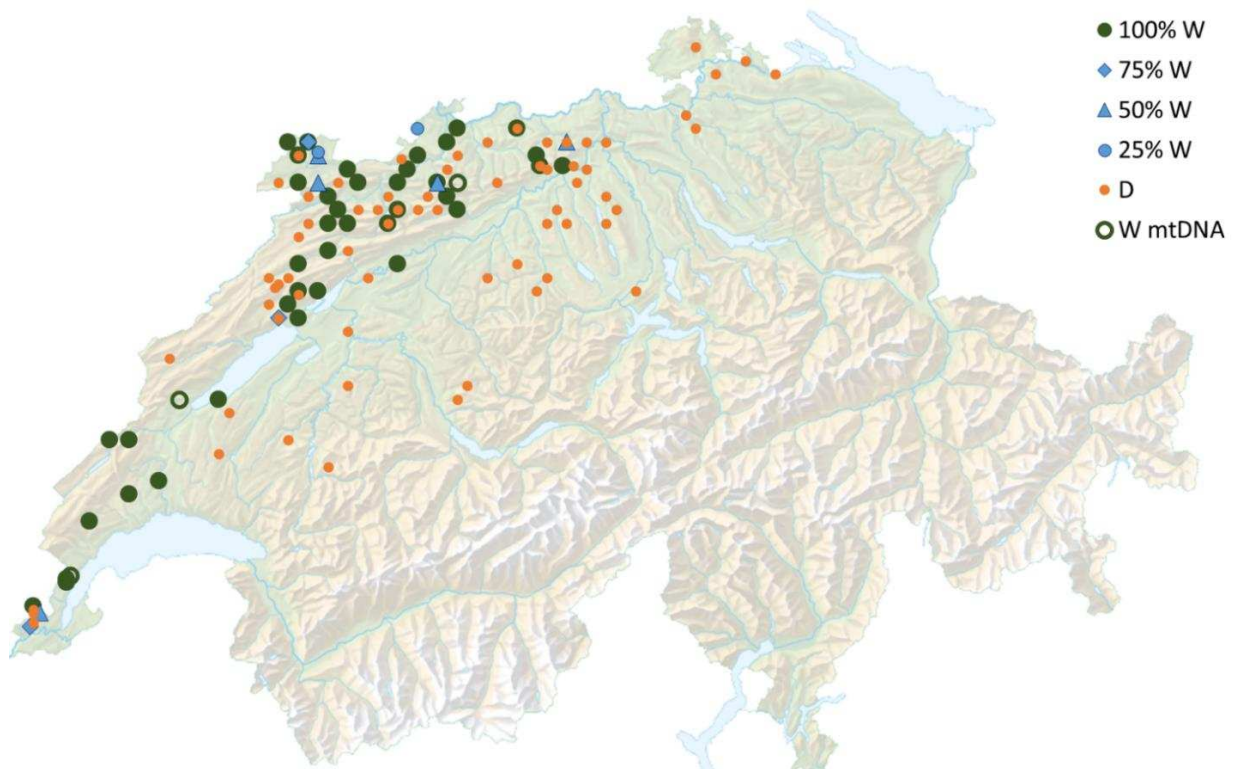


Abb. 6: Monitoring-Fundorte von Wildkatzen (W, grüne grosse Punkte), Hauskatzen (D, orange kleine Punkte) und Hybriden (blau): 75%-Wildkatzen (Rechtecke), 50%-Wildkatzen (Dreiecke), 25%-Wildkatzen (Punkte). Grüne Kreise geben Standorte an, an denen wildkatzentypische mtDNA nachgewiesen wurde, aber ungenügend nukleare-DNA vorliegt für eine genauere Aussage zur Katzenkategorie.

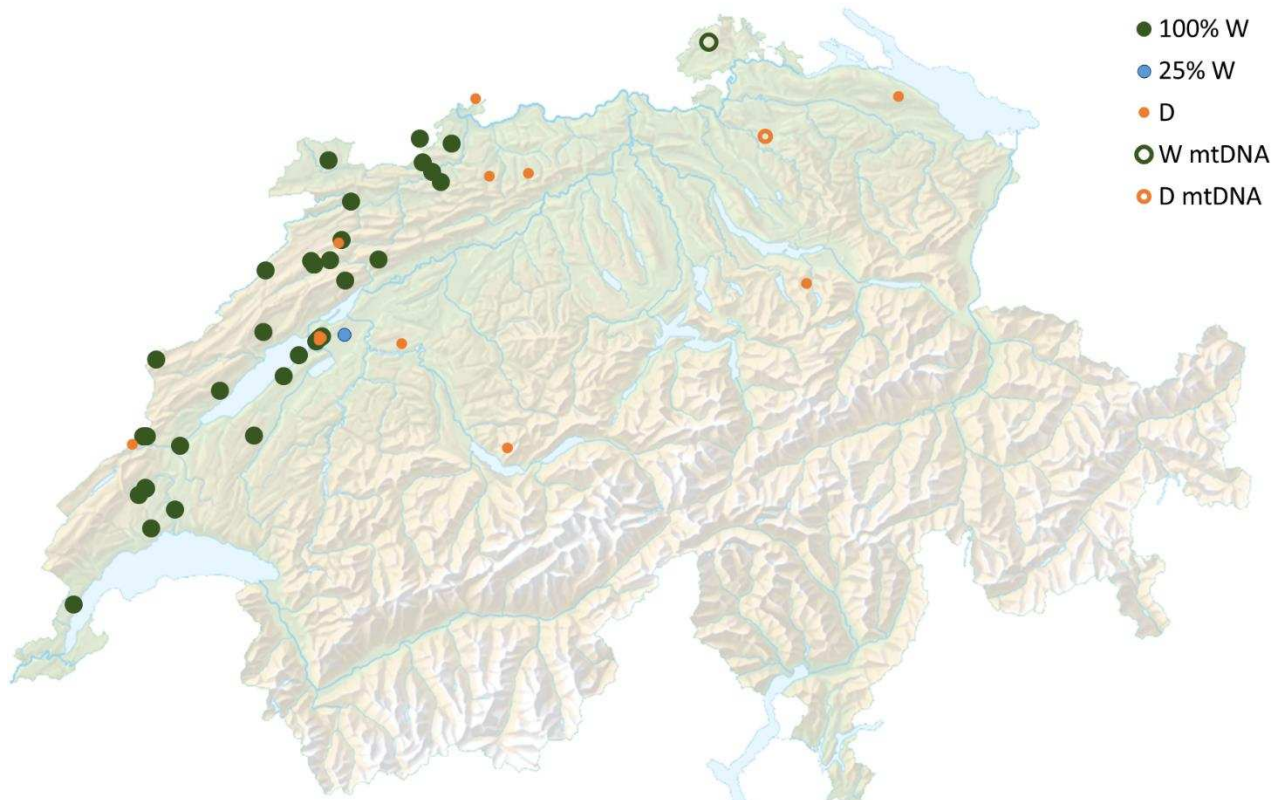


Abb. 7: Zufallsproben-Fundorte von Wildkatzen (W, grüne grosse Punkte), Hauskatzen (D, orange kleine Punkte) und Hybride 25%-Wildkatze (blauer Kreis). Der grüne Kreis zeigt den Standort, an dem wildkatzentypische mtDNA nachgewiesen wurde, aber ungenügend nuklear-DNA vorliegt für eine genauere Aussage zur Katzenkategorie. Der orange Kreis steht analog für hauskatzentypische mtDNA.

Methodisch interessant zu bemerken ist, dass der Hybridenanteil deutlich geringer ausfällt, wenn die Berechnung mit den Zufallsproben statt mit den Monitoring-Haarproben berechnet wird. Von den 35 Wildkatzen aus den Zufallsproben war ein Individuum eine «25%-Wildkatze», d.h. eine Rückkreuzung aus einer Erstgeneration-Hybridin und einem Hauskater. Drei der übrigen 34 Wildkatzen trugen eine hauskatzentypische mtDNA. Der Hybridenanteil beträgt mit dieser Stichprobe folglich 2.9%, bzw. 11.4%, wenn die 3 Wildkatzen mit hauskatzentypischen mtDNA als Hybriden gezählt werden. Diese Hybridisierungswerte sagen jedoch wenig über die Häufigkeit von Hybriden aus. Sie verdeutlichen vielmehr, dass die Hybridenanteile, basierend auf zufällig gesammelten Totfund-Proben (Zufallsproben), nicht zwingend repräsentativ sind für die ganze Population. Während die Monitoring-Proben systematisch und ohne methodische Verzerrung («bias») über die ganze Fläche erhoben wurden und somit repräsentativ für die ganze Schweizer Wildkatzenpopulation sind, kam es bei den Zufallsproben offensichtlich zu einer Verzerrung. Womöglich fällt die Beprobung anhand Zufallsfunde zu Ungunsten der Hybriden aus, weil Katzen, die wildkatzen-untypische Fellmerkmale aufweisen, kaum zur genetischen Untersuchung eingeschickt werden und Hybriden wahrscheinlich häufiger als Wildkatzen solche wildkatzen-untypische Fellmerkmale aufweisen.

Entwicklung des Hybridisierungsgrads gegenüber 2010

Insgesamt ist die Hybridisierungsrate in den letzten zehn Jahren in einer ähnlichen Grössenordnung geblieben. Der Hybridenanteil in der Population ist von rund 20% auf rund 15% gesunken. In der Zweiterhebung waren die Hybriden aber vermehrt Erstgeneration-Hybriden, wodurch der Anteil an Hauskatzenengen in der Wildkatzenpopulation nun tendenziell höher ist. Die Hybridisierungsrate (Anteil Hauskatzen-Migranten in der Wildkatzenpopulation) ist denn auch von 0.02 auf 0.03 gestiegen.

Diese Werte mögen a priori als sehr gering erscheinen. Es gilt jedoch zu beachten, dass der Genfluss von Haus- zu Wildkatze in beiden Erhebungen fünf- bis zehnmal grösser war als umgekehrt und dass bereits mit diesen vermeintlich geringen Hybridisierungswerten sich die Wildkatze über die nächsten Jahrhunderte zunehmend der Hauskatze angleichen könnte. Anhand der Hybridisierungswerte aus der ersten Erhebung des Schweizer Wildkatzenmonitorings simulierten Quilodrán et al. einige Szenarien, wie sich die Hybridisierung in Zukunft entwickeln könnte (Abb. 8, angepasst aus Quilodrán et al. 2020). Es zeigte sich dabei, dass der Hybridenanteil in 100 Jahren – je nach Szenario – zwischen 21 und 57% liegen könnte. Es lohnt sich deshalb, die Hybridisierung weiterhin systematisch zu überwachen und nach Möglichkeit die Hybridisierungsereignisse einzudämmen.

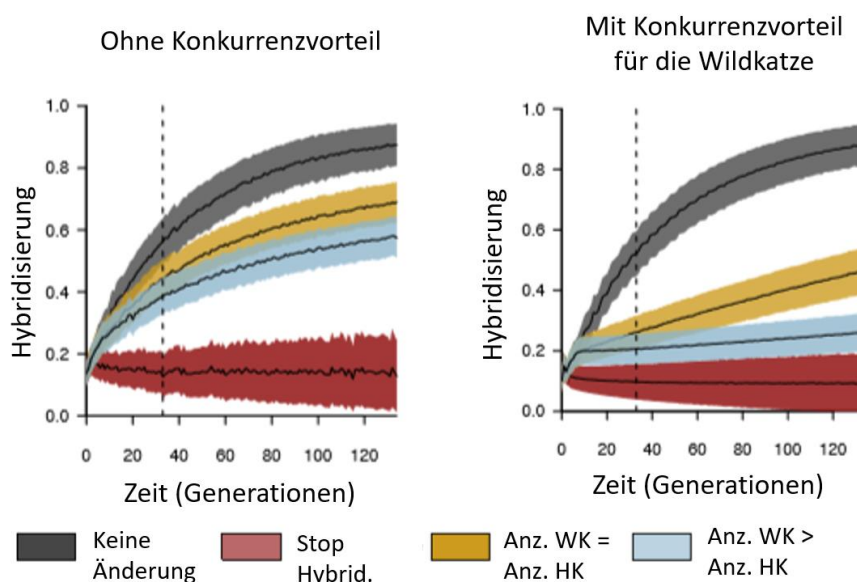


Abb. 8: Vier Entwicklungs-Szenarien der Hybridisierungsrate über 140 Katzengenerationen (oder 420 Jahren; eine Katzengeneration entspricht 3 Jahren. Die gestrichelte Linie zeigt die Lage in 100 Jahren), links ohne, rechts mit Berücksichtigung eines Konkurrenzvorteils für die Wildkatze. Grau: die Parameterwerte des Simulationsmodells ändern sich nicht gegenüber der Ausgangslage, d.h. Hauskatzen bleiben in Überzahl gegenüber den Wildkatzen, Rot: die Kreuzung zwischen Wild- und Hauskatzen wird gänzlich unterbunden, Gelb: die Anzahl Wildkatzen gleicht sich der Anzahl Hauskatzen an, Blau: die Anzahl Wildkatzen übersteigt die Anzahl Hauskatzen. Aus Quilodrán et al. 2020

Die vermehrte Beobachtung von Erstgeneration-Hybriden während der Zweiterhebung passt zum Szenario, wonach die Wildkatze aktuell vermehrt in neue Gebiete dringt, wo bisher vor allem Hauskatzen vorkamen und Wildkatzen-Geschlechtspartner noch selten sind. Theoretisch werden eher Paarungen zwischen Wildkatzenmännchen mit Hauskätzin erwartet als umgekehrt. Dies weil Männchen grössere Wanderungsdistanzen zurücklegen als Weibchen und somit eher aus dem angestammten Wildkatzengebiet gelangen und weil Wildkater vermutlich konkurrenzstärker sind gegenüber Hauskater. In unserer kleinen Stichprobe von vier Erstgenerationshybriden hatten allerdings zwei Individuen eine Wildkatzenmutter. Dies zeigt, dass die Hybridisierung durchaus auch zwischen Hauskater und Wildkätzin geschieht.

Zufallsproben

Die Zufallsproben können helfen, die Wildkatze auch in Gebieten nachzuweisen, wo sie (noch) nicht in grossen Dichten etabliert ist und somit durch die zeitlich und räumlich groben Maschen des Monitorings fällt. So brachte eine Zufallsprobe im Kanton Schaffhausen den bisher östlichsten Wildkatzenachweis in der Schweiz (Abb. 7). Einige weitere «Verdachts-Wildkatzen» östlich der Aare entpuppten sich als Hauskatzen. Auch die als «Hybridenverdachtsfälle» eingegangenen Katzen von Privaten waren alle Hauskatzen.

Nebst den Zufallsproben erhielten wir auch verschiedene Fotofallenbilder mit sogenannten «phänotypischen Wildkatzen» – Katzen, die wie Wildkatzen aussehen. Hier zeigen wir Katzen-Bilder von zwei Standorten am Rand der aktuellen Wildkatzenverbreitung, wo auch Haarproben mit Baldrian-Lockstöcken genommen werden konnten. Sie können als anekdotische Hinweise auf die fortschreitende Ausbreitung interpretiert werden.

Im November 2020 wurde eine phänotypische Wildkatze im Freiburger Mittelland (Montet Glâne) mehrmals an einer Fotofalle nachgewiesen (Abb. 9). Der Standort war im Frühjahr 2020 Teil der regulären Monitoring-Stichprobe, zu diesem Zeitpunkt gelang aber noch kein Nachweis. Auch im Berner Mittelland, in der Nähe von Fräschels (FR) verriet eine Fotofalle im November 2020 eine phänotypische Wildkatze (Abb. 10). *Ende November 2020 konnten Haarproben an den Standorten Montet Glâne und Fräschels gesichert werden. Diese werden 2021 untersucht.*

Drei Zufallsproben von privat gestellten Lockstöcken (Langenbruck BL, Ramsflue AG und Gälflue AG) enthielten zu wenig Katzen-DNA für eine Artbestimmung.



Abb. 9: Phänotypische Wildkatze im Freiburger Mittelland. Fotofallen-Aufnahme © Xavier Merz.



Abb. 10: Phänotypische Wildkatze im Berner Mittelland. Standbilder aus Video-Aufnahme © Kurt Grossenbacher

Zahlenübersicht

Übersicht der Ergebnisse aus dem Wildkatzenmonitoring:

	2008/10	2018/20
Besetzungsgrad in Jura-Quadraten Anteil der von Wildkatzen besetzten Kilometerquadrate in der biogeographischen Region «Jura» unter Berücksichtigung der Entdeckungswahrscheinlichkeit (95% Konfidenzintervall)	15% (9-24%)	31% (23-42%)
Besetzte Fläche im gesamten Jura Von Wildkatzen besetzte Fläche in der biogeographischen Region «Jura» unter Berücksichtigung der räumlichen Variablen Höhe, Waldanteil und Siedlungsanteil (95% Konfidenzintervall)	223-1302 km ²	633-1732 km ²
Wildkatzendichte pro km² Durchschnittliche Anzahl Wildkatzenindividuen pro km ² (95% Konfidenzintervall)		0.23 (0.18-0.30)
Hauskatzendichte pro km² Durchschnittliche Anzahl Hauskatzenindividuen pro beprobte Quadratkilometerfläche (95% Konfidenzintervall)		0.47 (0.39-0.56)
Bestandsschätzung Geschätzte Anzahl Wildkatzen in der Schweiz, basierend auf der geschätzten Individuendichte auf der gesamten Untersuchungsfläche	rund 500 Individuen	rund 2500 Individuen
Hybridenanteil Anteil an Hybriden in der Wildkatzenpopulation	20%	15%
Hybridisierungsrate bei Wildkatzen Genfluss von Hauskatze zu Wildkatze, gemessen als Anteil Migranten von der Hauskatzenpopulation zur Wildkatzenpopulation pro Generation (95% Konfidenzintervall)	0.02 (0 – 0.04)	0.03 (0.02 – 0.04)
Hybridisierungsrate bei Hauskatzen Genfluss von Wildkatze zu Hauskatze, gemessen als Anteil Migranten von der Wildkatzenpopulation zur Hauskatzenpopulation pro Generation (95% Konfidenzintervall)	0.006 (0 – 0.02)	0.003 (0 – 0.006)

Übersicht der Monitoring-Stichprobe und der Labor-Rohdaten

Stichprobenquadrate	2008/10	2018/20
Anzahl bearbeitete Stichprobenquadrate	122	281
Anzahl Quadrate mit Wildkatzennachweis (mtDNA)	16 (13%)	48 (17%)
Anzahl Quadrate mit Hauskatzennachweis (mtDNA)	27 (22%)	76 (27%)
Anzahl Quadrate mit Hybridennachweis (nuklear-DNA)	3 (2%)	9 (3%)
Anzahl Quadrate ohne Katzennachweis	76 (62%)	146 (52%)

Laborergebnisse	2018/20
Anzahl gesammelter Haarproben (Probebeutel)	810
Anzahl Haarproben a priori ohne brauchbaren Haarwurzeln	291
Anzahl Haare mit DNA-Quantifikation	1362
Anzahl genotypisierter Haare	525
Anzahl erfolgreich genotypisierter Katzenhaare (mind. mtDNA)	513

Fazit und Ausblick

Verbreitung

Wildkatzen haben innert 10 Jahren ihre Ausbreitungsfläche im Jura verdoppelt. Einunddreissig Prozent der untersuchten Jura-Flächen sind aktuell besetzt. Die Art kommt auch ausserhalb des Jurabogens vor, wie es vor allem sporadische Zufallsfunde belegen. Die Wildkatzen sind jedoch im Mittelland und der Alpennordflanke deutlich seltener als im Jura. Die höchste Wildkatzendichte liegt im nördlichen Jura (JU, SO, BL). Auch liegen die meisten Wildkatzennachweise ausserhalb des Juras noch in der Nähe des Juras. Dies deutet darauf hin, dass die Kolonisierung der Gebiete östlich des Jurabogens erst begonnen hat. Das Mittelland und die Alpennordflanke bieten eine beachtliche Fläche an geeigneten Wildkatzen-Lebensräumen. Eine zukünftige Ausbreitung der Art Richtung Osten scheint deshalb realistisch. Die Wildkatze ist anpassungsfähig und mobil. Sie kann auch grössere Barrieren wie breite Flüsse oder Autobahnen zumindest ab und zu überwinden (Hartmann et al. 2013, Würstlin et al. 2016). Es ist deshalb denkbar, dass sie ihren Weg in die geeigneten, bisher aber noch kaum besiedelten Gebiete früher oder später von selbst findet. Es ist aber auch anzunehmen, dass das dichte Siedlungs- und Verkehrsnetz im Mittelland für die Wildkatze dennoch ein gewisses Hindernis darstellt und so ihre Ausbreitung verlangsamt. Um die Wildkatze in ihrer Ausbreitung in weitere geeignete Gebiete zu unterstützen, ist der Ausbau der ökologischen Infrastruktur sinnvoll. Hilfreich sind intakte Wildtierkorridore sowie vielfältige Landwirtschaftsflächen, die mit Deckung und Nahrung bietenden Strukturen angereichert sind, wie beispielsweise vegetationsreichen Säumen, Hecken, Totholz oder Ufergehölz. Die Wildkatze kann solche Gebiete als Trittsteine oder sogar als Lebensraum nutzen (Jerosch et al. 2018). Unser Vergleich der Habitatmodelle der Erst- und Zweiterhebung im Jura zeigt, dass Wildkatzen grosse Waldgebiete fernab von Siedlungen bevorzugen, sofern die Gebiete noch nicht von Artgenossen besetzt sind. Nach und nach werden aber auch Gebiete mit weniger grossem Waldanteil besiedelt. *Genauere Analysen zu den Habitatpräferenzen von Wild- und Hauskatzen sind für 2021 geplant (Master ETHZ, Émilie Berberat).*

Dichte

Die Wildkatze hat ihren Bestand innert 10 Jahren mindestens verdoppelt, wahrscheinlicher sogar vervier- oder verfünffacht, von einigen hundert auf über 2000 Individuen. Die Wildkatzendichte wird im gesamten Untersuchungsperimeter auf 0.23 Individuen pro km² geschätzt. Die Hauskatzendichte in diesem potenziellen Wildkatzenlebensraum ist mit 0.47 Individuen pro km² doppelt so hoch. Die vermutlich viel zahlreicheren Hauskatzen, die ihr Streifgebiet nur in den menschlichen Siedlungsgebieten haben, sind darin kaum enthalten. Betrachtet man nur den Jura, ist die Wildkatzendichte höher (0.39 Ind./km²). *Weitere Auswertungen zur Dichteschätzung und zur Hauskatzenpräsenz sind für 2021 vorgesehen.*

Hybridisierung

Der Anteil an Hybriden in der Wildkatzenpopulation beträgt rund 15%. Die Hybridisierungsrate, gemessen als Genfluss zwischen Hauskatzen und Wildkatzen liegt bei 0,03 Migranten aus der Hauskatzenpopulation in die Wildkatzenpopulation pro Generation. Diese Werte sind ähnlich wie vor 10 Jahren. Eine Hybridisierung dieser Grössenordnung könnte theoretisch ausreichen, um die Wildkatze innert einigen hundert Jahren der Hauskatze anzugleichen, zumindest unter der Annahme, dass die Hauskatzen weiterhin deutlich zahlreicher als Wildkatzen bleiben (Quilodrán et al. 2020). Entscheidend bei der Entwicklung der Hybridisierungsrate ist vor allem das Verhältnis der effektiven Populationsgrössen der beiden Katzenarten. Ist die Anzahl Hauskatzen deutlich grösser als die der Wildkatzen, nimmt die Hybridisierung massiv zu. Die Hybridisierung steigt langsamer an, wenn die Wildkatzen in grosser Überzahl sind. Es ist denkbar, dass die Hybridisierung in Zukunft zunehmen wird, weil sich die Wildkatze Richtung Mittelland ausbreitet, und weil in den vielen menschlichen Siedlungen des Mittellandes auch besonders viele Hauskatzen leben. Andererseits könnte die Wildkatze vielleicht auch die Hauskatze nach und nach aus den Wäldern verdrängen. Eine Sterilisation, bzw. Kastration von Hauskatzen bleibt so oder so sinnvoll, um einer Zunahme der Hybridisierungsrate entgegenzuwirken. Auch die Anzahl verwilderter Hauskatzen, die im gesamten Wildkatzenlebensraum vorkommen, ist möglichst gering zu halten. Umgekehrt kann die Anzahl der Wildkatzen möglicherweise weiter gesteigert werden, indem der Lebensraum für die Wildkatze optimiert wird.

Literatur

- Anderson EC, Thompson EA 2002: A model-based method for identifying species hybrids using multilocus genetic data. *Genetics* 160:1217–1229
- BAFU 2019: Liste der National Prioritären Arten und Lebensräume. In der Schweiz zu fördernde prioritäre Arten und Lebensräume. Bundesamt für Umwelt, Bern. Umwelt-Vollzug Nr. 1709: 99 S.
- Hartmann SA, Steyer K, Kraus RHS, Segelbacher G, Nowak C 2013: Potential barriers to gene flow in the endangered European wildcat (*Felis silvestris*). *Conserv Genet* 14:413–426
- Jerosch S, Kramer-Schadt S, Götz M, Rotha M 2018: The importance of small-scale structures in an agriculturally dominated landscape for the European wildcat (*Felis silvestris silvestris*) in central Europe and implications for its conservation. *Journal for Nature Conservation* 41: 88–96
- MacKenzie DIJD, Nichols GB, Lachman S, Droege J, Royle A, Langtimm, CA 2002. Estimating Site Occupancy Rates When Detection Probabilities Are Less Than One. *Ecology* 83: 2248-2255.
- Nussberger B, Weber D, Hefti-Gautschi B, Lüps P 2007: Neuester stand des Nachweises und der Verbreitung der Wildkatze (*Felis silvestris*) in der Schweiz. Mitteilungen der Naturforschenden Gesellschaft in Bern, 64, 67–80.
- Nussberger B 2013a: Assessing introgression between European Wildcats (*Felis silvestris silvestris*) and Domestic cats (*Felis silvestris catus*). Dissertation an der Mathematisch-naturwissenschaftlichen Fakultät der Universität Zürich. 125 S.
- Nussberger B, Greminger MP, Grossen C, Keller LF, Wandeler P 2013b: Development of SNP markers identifying European wildcats, domestic cats, and their admixed progeny. *Molecular Ecology Resources* 13, 447–460
- Nussberger B, Wandeler P, Weber D, Keller LF 2014a: Monitoring introgression in European Wildcats in the Swiss Jura. *Conservation genetics* 15:1219–1230. DOI: 10.1007/s10592-014-0613-0
- Nussberger B, Wandeler P, Camenisch G 2014b: A SNP chip to detect introgression in wildcats allows accurate genotyping of single hairs. *Eur J Wildl Res* 60:405–410
- Nussberger B 2018: BAFU-Wildkatzenmonitoring Schweiz: Anleitung für die Feldarbeit 2018/2020. Bericht zuhanden der FeldmitarbeiterInnen und des Auftraggebers BAFU. Wildtier Schweiz. 13 S.
- Quilodrán CS, Nussberger B, Macdonald DW, Montoya-Burgos JI, Currat M 2020: Projecting introgression from domestic cats into European wildcats in the Swiss Jura. *Evolutionary Applications* 13:2101–2112. DOI: 10.1111/eva.12968
- Weber D, Roth T, Huwyler S 2010 : Die aktuelle Verbreitung der Wildkatze (*Felis silvestris silvestris* Schreber, 1777) in der Schweiz. Ergebnisse der systematischen Erhebungen in den Jurakantonen in den Wintern 2008/09 und 2009/10. Hintermann und Weber AG. 23 S.
- Würstlin S, Segelbacher G, Streif S, Kohnen A 2016 : Crossing the Rhine: a potential barrier to wildcat (*Felis silvestris silvestris*) movement? *Conserv Genet* 17:1435–1444

Anhang

- Rohdatenübersicht: Das Excel-Dokument «WKM_Datenuebersicht2020_v1.xlsx» enthält in filter- und sortierbarer Listenform alle Angaben zu Fundort, Funddatum, Finder, Haarprobe, Einzelhaar, Ergebnis Katzenkategorie (Wildkatze, Hauskatze oder Hybrid), Individuum
- Genotypen: Das Excel-Dokument «WKM_GenotypenIndividuen_v1.xlsx» enthält die Genotypen aller erkannten Individuen.
- Lattenkoordinaten: Das Excel-Dokument «WKM_LattenKoordinatenInklNuller_v1.xlsx» enthält die Koordinaten aller Lattenstandorte, inkl. Standorte ohne brauchbare Haarproben.
- GIS-Layers:
 - Aktuelle Vorkommenswahrscheinlichkeit
 - Potenzielle Vorkommenswahrscheinlichkeit
 - Dichte

Diese Anhänge werden 2021 vervollständigt und zusammengestellt.